

< Original Article >

국내 양돈장의 사육구간별 주요 소화기질병 원인체 유병을 조사

정윤수¹ · 박유리¹ · 강대영^{1,2} · 한도현^{1,3} · 윤두학⁴ · 정병열³ · 박최규^{1*}
경북대학교 수의과대학/수의전염병제어센터¹, 농림축산검역본부 질병진단과²
농림축산검역본부 세균질병과³, 경북대학교 축산학과⁴

Prevalence of major enteric pathogens in different feeding groups of pig in Korean pig farms

Youn-Soo Jung¹, Yu-Ri Park¹, Dae-Young Kang^{1,2}, Do-Hyun Han^{1,3},
Duhak Yoon⁴, Byeong-Yeal Jung³, Choi-Kyu Park^{1*}

¹College of Veterinary Medicine & Animal Disease Intervention Center, Kyungpook National University, Daegu 41566, Korea

²Animal Disease Diagnostic Division, Animal and Plant Quarantine Agency, Gimcheon 39660, Korea

³Bacterial Disease Division, Animal and Plant Quarantine Agency, Gimcheon 39660, Korea

⁴Department of Animal Science, Kyungpook National University, Sangju 37224, Korea

(Received 11 October 2016; revised 9 December 2016; accepted 14 December 2016)

Abstract

For determining the prevalence of major enteric pathogens, clinical examination and etiological diagnosis were carried out on 75 Korean pig farms. Enteric disease-suspected signs were observed in 90.7% of the farms and the incidence and severity were higher in younger age groups of the pigs. Five of seven pathogens were detected in 375 fecal samples collected from the 75 farms, and the farm-level prevalence of porcine rotavirus group A (PoRVA), pathogenic *Escherichia (E.) coli*, *Lawsonia (L.) intracellularis*, *Salmonella* spp., and *Brachyspira (B.) hyodysenteriae* was 54.7%, 54.7%, 16.0%, 10.7% and 2.7%, respectively. PoRVA was extensively infected in suckling and weaning pig groups. The prevalence of pathogenic *E. coli* was highest in suckling period, and after the period, it exhibited a tendency to decrease. *Salmonella* spp. and *L. intracellularis* were detected in all feeding groups of pigs in a ratio of 1.3~6.7%. *B. hyodysenteriae* was detected in 1.3~2.7% of growing and fattening pig groups but not detected in suckling and weaning pig groups. At least one or more pathogens were detected in 30.1% of 375 fecal samples. Among these, 25.0% or 5.1% of cases were single or mixed infection. Enteric disease signs of the pigs were significantly co-related with the detection of PoRVA, pathogenic *E. coli* or *Salmonella* spp. ($P < 0.01$) but not with *L. intracellularis* or *B. hyodysenteriae* ($P > 0.05$). Conclusively, it will be expected that these data obtained in this study are very useful for subsequent studies and prevention strategies for swine enteric disease in Korean pig farms.

Key words : Pig farm, Enteric pathogen, Prevalence, Korea

서 론

설사병은 양돈장에서 가장 흔히 발생하는 질병 유형 중의 하나이며, 설사병 이환농장은 사육 돼지의

성장 부진과 폐사 및 치료비의 증가 등으로 심각한 경제적 피해를 입게 된다(Thomson과 Friendship, 2012). 돼지 설사병은 사육단계별로 다양한 세균, 바이러스 및 기생충 감염에 의해 발생하고 있으며, 동일 농장 또는 동일 돈군에서도 2종 이상의 병원체가 혼합감염되는 경우가 많다(Katsuda 등, 2006; Stege

*Corresponding author: Choi-Kyu Park, Tel. +82-53-950-5973,
Fax. +82-53-950-5973, E-mail. parkck@knu.ac.kr

등, 2000; Suh와 Song, 2005). 한국에서도 일선 양돈장의 설사병 문제를 해결하기 위한 기초연구로써 돼지 설사병의 감염상황이나 유병률을 파악하기 위한 연구가 지속적으로 이루어져 왔다(Kim 등, 2010; Kwon 등, 1999; Lee 등, 2001; Lim 등, 2012; Suh와 Song, 2005). 그러나 이들 연구의 대부분은 특정 돼지 설사병 원인체의 유병률이나 해당 병원체의 특성을 구명하는 내용이며, 농장 단위의 복합적인 설사병 감염 상황을 파악하는 데는 한계가 있어 왔다. 국가별로 호주(Driesen 등, 1993), 덴마크(Stege 등, 2000), 독일(Wieler 등, 2001), 일본(Katsuda 등, 2006), 브라질(Viott 등, 2013) 등에서 포유, 이유 또는 육성·비육기간 등 특정 사육구간에 대하여 주요 설사병 원인체의 감염 상황을 조사하여 보고한 바 있으나 양돈장의 설사병 감염상황을 전 사육구간에 걸쳐 종합적으로 파악한 연구는 국내·외적으로 많지 않은 실정이다. 이 연구에서는 한국의 일반 양돈장을 대상으로 포유자돈, 이유자돈, 육성돈(전기와 후기) 및 비육돈 구간으로 사육단계를 5단계로 구분하여 설사병 발생상황을 조사하고, 해당 구간에서 채취한 분변시료를 대상으로 주요 설사병 원인체 7종 즉, 돼지전염성위장염바이러스(transmissible gastroenteritis virus; TGEV), 돼지유행성 설사바이러스(porcine epidemic diarrhea virus; PEDV), 돼지 로타바이러스 A형(porcine rotavirus group A; PoRVA), 병원성대장균[pathogenic *Escherichia (E. coli)*], 살모넬라균(*Salmonella spp.*), 증식성회장염균[*Lawsonia (L.) intracellularis*], 돼지저리균[*Brachispira (B.) hyodysenteriae*]에 대한 검사를 진행하여 국내 양돈장의 사육구간별 주요 설사병 원인체의 유병률 및 혼합감염 양상을 조사하였기에 보고한다.

재료 및 방법

농장조사 및 시료 채취

설사병 발생상황을 조사하기 위하여 영남지역 소재 75개 양돈장을 선발하였으며, 일반 양돈장의 설사병 유병률을 객관적으로 파악하기 위하여 선발농장의 설사병 발생상황에 대한 사전조사는 실시하지 않았다. 양돈장의 사육규모는 1,000두 미만이 5개 농가, 1,000~5,000두가 67농가 그리고 5,000두 이상이 3개 농장으로 평균 사육두수는 약 3,000두로 파악되었다. 해당 양돈장에 대한 사육구간별 설사병 발생 상황을

조사하기 위하여 2015년 4월에서 6월 사이에 담당 수의사가 방문하여 포유기(3주령 미만), 이유기(4~5주령), 육성 전기(10~11주령), 육성 후기(15~16주령) 및 비육기(20~22주령)의 돼지들에 대하여 돈방 단위로 설사 및 연변 증상 발현 유무를 관찰하여 기록하였다. 임상관찰결과, 설사 및 연변 증상을 보이는 돈방이 있을 경우에는 해당 임상 증상 발현 개체를 위주로 그리고 설사병 임상증상이 관찰되지 않는 경우는 무작위로 각 5두를 선발하여 멸균면봉으로 직장변을 채취하였으며, 채취한 5개의 면봉을 1개의 15 mL 튜브에 담아서 냉장하여 검사실로 송부하였다.

분변 시료 처리

돈방별 분변시료 채취 면봉이 포함된 15 mL 튜브에 멸균 증류수 5 mL를 첨가하여 강하게 교반하여 분변희석액을 제조하였으며, 이 분변희석액을 대상으로 유전자검사에 필요한 핵산 추출 및 세균 배양검사를 실시하였다.

핵산 추출

분변희석액 또는 배양 세균(병원성대장균 및 살모넬라균)으로부터 유전자검사에 필요한 핵산을 시판 핵산추출키트 또는 boiling method를 이용하여 추출하였다(Zhang 등, 2007). 분변희석액의 경우, 보관된 분변 희석액 1 mL를 1.7 mL 튜브에 분주하여 강하게 다시 교반한 다음, 냉장상태로 3000 rpm으로 10분간 원심분리하였으며, 상층액 200 μ L를 덜어내어 시판 DNA/RNA 추출키트(GeneAll Biotechnology, Korea)를 이용하여 제조사의 추천방법에 따라 핵산을 추출하였다. 배양 세균의 경우, Zhang 등(2007)의 방법에 따라 boiling method로 핵산을 추출하였다. 즉, 1.7 mL 에펜돌프 튜브에 해당 세균의 집락을 채취하여 현탁하였고, 튜브를 끓는 물에 15분간 담군 후 바로 얼음에 10분간 두어 냉각시킨 다음, 10,000 rpm으로 5분간 원심분리한 후에, 상층액 100 μ L를 덜어내어 PCR template로 사용하였다. 추출한 핵산은 4°C 보관하며, 대부분 추출 당일 검사를 진행하였으며, 당일 검사가 곤란한 경우에는 사용 전까지 -70°C에 보관하였다.

세균 검사

분변희석액을 대상으로 병원성대장균, 살모넬라균,

증식성회장염균 및 돈적리균에 대한 배양검사와 유전자검사를 실시하였다. 병원성 대장균의 경우, 멸균 면봉을 이용하여 분변희석액을 5% 면양 혈액 함유 혈액한천배지와 맥콩기한천배지에 도달한 다음, 37°C에서 18시간 1차 배양하였다. 1차 배양 결과, 대장균으로 의심되는 집락을 채취하여 Eosin Methylene Blue 한천배지(Difco, USA)에 도달하여 37°C에서 18시간 2차 배양하였으며, 대장균 특유의 금속 광택을 띠는 집락을 채취하여 전술한 방법으로 추출한 핵산을 대상으로 시판 multiplex PCR assay kit (TaKaRa BIO INC., Japan)와 PCR 장비(SimpleAmp Thermal cyclor, ABI, USA)를 이용하여 기보고된 PCR 방법(Zhjang 등, 2007)에 따라 대장균의 병원성 유전자를 증폭하여 1개 이상의 병원성 유전자가 검출될 경우, 병원성 대장균으로 확진하였다. 살모넬라균의 경우, 분변희석액 1 mL를 10 mL의 buffered peptone water (Difco, USA)가 포함된 15 mL 튜브에 접종하여 37°C에서 18시간 1차 배양하여 증균하였고, 배양액 1 mL를 10 mL의 Rappaport-Vassiliadis broth (Difco, USA)에 접종하여 42°C에서 18시간 배양하여 2차 증균하였다. 2차 배양액을 Chrom agar (Difco, USA)에 도달하여 37°C에서 18시간 배양한 다음, 보라색을 띠는 살모넬라균 의심집락을 채취하여 전술한 방법으로 추출한 핵산을 대상으로 시판 PCR amplification kit (TaKaRa BIO INC., Japan)와 PCR 장비(SimpleAmp Thermal cyclor, ABI, USA)를 이용하여 기보고된 PCR 방법(Arnold 등, 2004)으로 InvA 유전자를 검출하여 확인하였다. 증식성회장염균과 돼지적리균의 경우, 전술한 방법으로 분변 희석액에서 시판 핵산추출키트로 추출한 핵산을 대상으로 시판 multiplex PCR assay kit (TaKaRa BIO INC., Japan)와 PCR 장비(SimpleAmp Thermal cyclor, ABI, USA)를 이용하여 기보고된 PCR 방법(Suh와 Song, 2005)을 이용하여 특이 유전자를 증폭하여

진단하였다. 각 PCR 반응 이후 증폭산물 5 µL를 들어내어 1.5% 아가로스 젤 전기영동을 실시한 다음, NEO green dye (Neoscience, Korea)로 염색하여 자외선판독기(Bio-Rad Laboratories, Inc., USA)를 이용하여 특이 밴드의 증폭 여부를 확인하였다.

바이러스검사

바이러스 검사는 TGEV, PEDV 및 PoRVA에 대하여 실시하였다. 전술한 방법에 의해 분변희석액으로부터 추출한 핵산을 대상으로 시판 multiplex RT-PCR assay kit (TaKaRa BIO INC., Japan)와 PCR 장비(SimpleAmp Thermal cyclor, ABI, USA)를 이용하여 기보고된 multiplex RT-PCR 방법(Song 등, 2006)을 이용하여 해당 바이러스들의 특이유전자를 증폭한 다음, 전술한 대로 증폭산물을 확인하여 진단하였다.

통계처리

조사 양돈장 및 사육구간별 설사병 임상증상 및 병원체 검출상황은 조사 농장 수(n=75) 및 돈군 수(n=375) 대비 양성 농장 수 및 돈군 수의 백분율로 산출하였다. 사육구간별 채취시료는 5 개체의 면봉 채취 시료를 1개로 혼합하여 검사하였기 때문에 혼합 시료를 1개의 개체로 간주하여 개체(돈방) 유병률을 산출하였다. 돈군의 설사병 임상증상 유무와 설사병 원인체 검출 간의 상관성 검증은 SPSS 통계 프로그램(2015, version 24.0)을 이용한 카이제곱검정(chi-squared test)으로 분석하였고, P-value가 0.05 미만인 경우 유의성이 있는 것으로 평가하였다.

Table 1. Prevalence of enteric disease-suspected signs by clinical examination in different feeding groups in 75 pig farms

Pig group	No. of herd	No. of herd with diarrhea (%)		
		Soft stool	Diarrhea	Total
Sucker	75	17 (22.7)	38 (50.7)	55 (73.3)
Weaner	75	25 (33.3)	21 (28.0)	46 (61.3)
Early grower	75	20 (26.7)	4 (5.3)	24 (32.0)
Late grower	75	5 (6.7)	3 (4.0)	8 (10.7)
Fattener	75	3 (4.0)	1 (1.3)	4 (5.3)
Total	300	70 (18.7)	67 (17.9)	133 (36.5)

Farm-level prevalence of enteric signs was 90.7% (68/75) by clinical examination.

결 과

설사병 발생상황

75개 양돈장에 대하여 사육구간별 임상관찰을 통하여 설사병(설사 및 연변) 발생 상황을 조사한 결과, 7개 양돈장을 제외한 68개 양돈장(90.7%)에서 최소한 1개 사육구간 이상에서 연변 및 설사증상을 나타내었다. 사육구간별로는 포유자돈 73.3%, 이유자돈 61.3%, 육성초기돈 32.0%, 육성후기돈 10.7% 및 비육돈 5.3%로 연령대가 어릴수록 설사병 발생률이 높은 것으로 나타났다. 또한 연령대가 어릴수록 설사병의 증상도 심하게 나타나 포유자돈 구간인 경우 약 50%의 돈군에서 설사 증상이 관찰된 반면에 이후 연령대가 증가하면서 설사 증상보다는 연변을 보이는 돈군이 상대적으로 증가하는 경향을 나타내었다(Table 1).

주요 설사병 원인체 검출

75개 양돈장의 사육구간별 채취한 분변 시료에 대하여 7종 설사병 원인체 검사결과(Table 2), PEDV와 TGEV는 전 검사농장에서 검출되지 않았으나 PoRVA와 병원성대장균이 41개 양돈장(54.7%)에서 검출되어

Table 2. Farm-level prevalence of major enteric pathogens in 75 pig farms

Pathogens	No. of tested farms	No. of positive farms	%
PEDV	75	0	0
TGEV	75	0	0
porcine rotavirus group A	75	41	54.7
Pathogenic <i>E. coli</i>	75	41	54.7
<i>Salmonella</i> sp.	75	8	10.7
<i>L. intracellularis</i>	75	12	16.0
<i>B. hyodysenteriae</i>	75	2	2.7

가장 높은 검출률을 나타내었으며, 증식성회장염균은 16.0%, 살모넬라균은 10.7% 그리고 돼지적리균은 2.7%)의 양돈장에서 검출되었다. 이를 사육구간별로 분석한 결과(Table 3), PoRVA는 포유자돈 및 이유자돈에서 각각 26.7%와 25.3%로 비교적 높은 비율로 검출되었으며, 이후 육성/비육 구간에서는 5.3%에서 2.7%의 낮은 검출률을 나타내어 포유 및 이유자돈 구간에서 집중적으로 발생함을 알 수 있었다. 병원성대장균은 포유자돈 37.3%, 이유자돈 17.3%, 육성초기돈 13.3%, 육성후기돈 및 비육돈 1.3% 및 2.7%로 포유자돈 구간에서 가장 높은 검출률을 나타내었으며, 이후 감소하는 경향을 나타내었다. 반면에 살모넬라균과 증식성회장염균은 전 사육구간에 걸쳐서 1.3%에서 6.7%의 비율로 고루 검출되는 경향을 나타내었으며, 돼지적리균의 경우는 포유 및 이유자돈 구간에서는 검출되지 않았으나 육성초기돈 이후 구간에서 1.3~2.7%의 수준으로 검출되었다.

사육구간별 설사병 원인체의 단독 및 복합감염 상황

75개 양돈장의 각 사육구간별로 설사병 원인체의 단독 및 혼합감염 상황을 파악한 결과(Table 4), 총 375개 돈방 시료 중 113개 돈방에서 1종 이상의 병원체가 검출되어 전체 검출률은 30.1%이었으며, 이중 단독감염 및 혼합감염의 비율은 각각 25.0% (94/375) 및 5.1% (19/375)로 나타났다. 사육단계별 단독 및 혼합감염의 비율은 포유자돈돈군이 34.7% 및 16.0%, 이유자돈돈군이 34.7% 및 8.0%, 육성초기돈돈군이 26.7% 및 1.3%이었으며, 육성후기돈돈군과 비육돈돈군은 혼합감염 없이 단독감염만 각각 13.3% 및 16.0%로 파악되어 포유자돈돈군 및 이유자돈돈군에서 혼합감염이 빈번하게 일어나며, 이후 연령대가 증가하면서 복합감염보다 단독감염의 비율이 높아짐을 알 수 있었다. 병원체별로는 포유자돈돈군 및 이유자돈돈군에서 PoRVA와 병원

Table 3. Pigs-level prevalence of major enteric pathogens in different feeding groups of pigs in 75 pig farms

Pathogens	No. of enteric pathogens detected (%)					
	Sucker (n=75)	Weaner (n=75)	Early grower (n=75)	Late grower (n=75)	Fattener (n=75)	Total (n=375)
Porcine rotavirus group A	20 (26.7)	19 (25.3)	4 (5.3)	2 (2.7)	2 (2.7)	47 (12.5)
Pathogenic <i>E. coli</i>	28 (37.3)	13 (17.3)	10 (13.3)	1 (1.3)	2 (2.7)	54 (14.4)
<i>Salmonella</i> sp.	2 (2.7)	4 (5.3)	2 (2.7)	1 (1.3)	2 (2.7)	11 (2.9)
<i>L. intracellularis</i>	1 (1.3)	2 (2.7)	5 (6.7)	4 (5.3)	5 (6.7)	17 (4.5)
<i>B. hyodysenteriae</i>	0	0	1 (1.3)	2 (2.7)	1 (1.3)	4 (1.1)

Table 4. Single and mixed infection of major enteric pathogen in different feeding groups in 75 pig farms

Infection status	No. of enteric pathogen detected (%)					Total
	Sucker	Weaner	Early grower	Late grower	Fattener	
Single infection (subtotal)	26 (34.7)	26 (34.7)	20 (26.7)	10 (13.3)	12 (16.0)	94 (25.0)
Porcine rotavirus type A (PoRVA)	9 (12.0)	14 (18.7)	4 (5.3)	2 (2.7)	2 (2.7)	31 (8.3)
Pathogenic <i>E. coli</i> (p <i>E. coli</i>)	16 (21.3)	10 (13.3)	9 (12.0)	1 (1.3)	2 (2.7)	38 (10.1)
<i>Salmonella</i> spp.	1 (1.3)	1 (1.3)	2 (2.7)	1 (1.3)	2 (2.7)	7 (1.9)
<i>L. intracellularis</i>	0	1 (1.3)	4 (5.3)	4 (5.3)	5 (6.7)	14 (3.7)
<i>B. hyodysenteriae</i>	0	0	1 (1.3)	2 (2.7)	1 (1.3)	4 (5.3)
Mixed infection (subtotal)	12 (16.0)	6 (8.0)	1 (1.3)	0	0	19 (5.1)
PoRVA+p <i>E. coli</i>	10 (13.3)	3 (4.0)	0	0	0	13 (3.5)
PoRVA+ <i>Salmonella</i> spp.	0	2 (2.7)	0	0	0	2 (0.5)
PoRVA+p <i>E. coli</i> + <i>Salmonella</i> spp.	1 (1.3)	0	0	0	0	1 (0.3)
p <i>E. coli</i> + <i>L. intracellularis</i>	1 (1.3)	0	1 (1.3)	0	0	2 (0.5)
<i>Salmonella</i> spp.+ <i>L. intracellularis</i>	0	1 (1.3)	0	0	0	1 (0.3)
Negative	37 (49.3)	43 (57.3)	54 (72.0)	65 (86.7)	63 (84.0)	262 (69.9)
Total	75 (100.0)	75 (100.0)	75 (100.0)	75 (100.0)	75 (100.0)	375 (100.0)

Table 5. Detection of enteric pathogens from pig herd with or without enteric disease-suspected signs in 75 pig farms

Pathogens	No. of herd with enteric pathogens (%)			P-value
	Diarrheic herd (n=137)	Non-diarrheic herd (n=238)	Total (n=375)	
Porcine rotavirus type A	37 (27.0)	10 (4.2)	47 (12.5)	0.0001*
Pathogenic <i>E. coli</i>	42 (30.7)	12 (5.0)	54 (14.4)	0.0001 [†]
<i>Salmonella</i> spp.	9 (6.6)	2 (0.8)	11 (2.9)	0.0015 [‡]
<i>L. intracellularis</i>	6 (4.4)	11 (4.6)	17 (4.5)	0.9135
<i>B. hyodysenteriae</i>	1 (0.7)	3 (1.3)	4 (1.1)	0.6301

Significant codes: * $P < 0.001$, [†] $P < 0.01$, [‡] $P < 0.05$.

성대장균의 혼합감염이 각각 13.3% 및 4.0%로 가장 흔한 혼합감염 유형으로 파악되었으며, 이유자돈군에서의 PoRVA와 살모넬라균 혼합감염이 2건(2.7%) 그리고 포유자돈군에서 PoRVA와 병원성대장균 및 살모넬라의 3종 혼합감염이 1건(1.3%) 검출되었다. 기타 포유자돈군 및 육성초기돈군에서 병원성대장균과 증식성회장염균 혼합감염이 각 1건(1.3%) 그리고 이유자돈군에서 살모넬라균과 증식성회장염균의 혼합감염이 1건(1.3%) 검출되었다.

돈군의 설사증상과 설사병 원인체 검출 연관성 분석

조사 돈군의 설사증상 유무와 설사병 원인체 검출 현황을 비교한 결과(Table 5), PoRVA, 병원성대장균 및 살모넬라균은 설사 증상이 없는 돈군보다 설사병 증상이 있는 돈군에서 상대적으로 높은 비율로 검출되었으며, 돈군의 설사 증상과 병원체 검출 간에 유의한 관련이 있는 것으로 분석되었다($P < 0.01$). 반면

에 증식성회장염균과 돼지적리균은 설사병 증상과 관련성이 없는 것으로 분석되었다($P > 0.05$).

고 찰

한국 양돈장의 사육구간별 돼지 설사병 발생상황을 조사하기 위하여 75개 양돈장에 대하여 임상관찰을 실시한 결과, 90.7% (68/75)의 양돈장에서 설사 또는 연변 증상이 관찰되었으며, 연령대가 어릴수록 설사병 발생률과 설사 증상이 심한 것으로 나타났다 (Table 1, 2). 특히 포유 및 이유자돈구간의 설사병 임상증상 발현률이 가장 높아 향후 국내 양돈장의 설사병 방제에 있어 포유 및 이유자돈 구간에 감염되는 설사병에 대한 집중적인 관리가 필요할 것으로 보인다. 75개 양돈장의 사육구간별 채취 분변에 대하여 주요 설사병 7종에 대한 원인체 검사를 실시한 결과 (Table 2), TGEV와 PEDV는 검출이 되지 않았으나 5

중의 주요 설사병 원인체 즉, 병원성대장균, PoRVA, 살모넬라균, 증식성회장염균, 돼지적리균이 사육구간 별로 다양한 비율로 검출되었다.

로타바이러스는 8종의 혈청형(A, B, C, D, E, F, G 및 H)으로 분류되며, 돼지에는 5개 혈청형(A, B, C, E 및 H)이 감염된다(Chang 등, 2012; Wakuda 등, 2011; Estes와 Greenberg, 2013). 이중 혈청형 A 돼지 로타바이러스, 즉 PoRVA가 자돈의 설사병 발생 예에서 가장 흔히 검출되고 있으며, 단독감염은 물론 다른 세균, 바이러스 및 기생충성 질병과 혼합감염되어 설사병 증상을 악화시키는 것으로 알려져 있다(Chang 등, 2012; Johnson 등, 1999). 본 연구에서 PoRVA에 대한 농장 및 개체 유병률은 각각 54.7% 및 12.5%로 나타났다(Table 2, 3), 돈균 감염 예의 34.0%가 병원성대장균이나 살모넬라균과의 혼합감염되고 있어 단독 및 혼합감염에 대비한 방역대책 수립이 필요한 것으로 나타났다(Table 4). 한국에서는 Kim 등(2010)이 2006~2007년 사이 국내 143개 양돈장의 돼지 설사 분변 475점을 대상으로 PoRVA의 감염률을 조사한 결과, 개체 양성률이 38.3%라고 보고한 바 있어 이 연구의 설사증상 돈군의 개체 유병률(27.0%) 보다는 다소 높게 나타났다. 이러한 차이는 본 연구에서는 PoRVA를 검출하는 데 있어 multiplex RT-PCR법(Song 등, 2006)을 이용하여 1단계 증폭과정을 거쳐 진단한 반면에 Kim 등(2010)은 2단계 증폭과정(RT-PCR 이후 nested PCR로 추가 증폭)을 거쳐 진단하였기 때문에 진단의 민감도의 차이에 기인한 것으로 추정된다. 이러한 추정은 Kim 등(2010)이 1차 RT-PCR로는 22.3% (106/475)의 양성률을 나타내었으나 2차 nested PCR을 실시한 결과, 양성율이 38.3% (182/475)로 증가하였다는 보고와도 일치한다. 따라서 향후 PoRVA의 검출률을 높일 수 있는 검사방법에 대한 추가검토가 필요할 것으로 생각된다. 또한 이 연구에서는 돼지에서 가장 많이 검출되는 A형 로타바이러스에 대해서만 조사하였으나 국내·외에서 A형 이외 B, C 및 H형의 로타바이러스에 돼지에 감염된다는 보고들을 고려할 때 향후 돼지에 감염되는 혈청형 전반에 걸친 체계적인 조사가 필요하다(Jeong 등, 2009; Molinari 등, 2012; Wakuda 등, 2011).

병원성대장균은 신생자돈과 이유자돈의 설사병뿐만 아니라 부종병, 패혈증, 다발성장막염, 유방염 등 다양한 질병을 유발하며, 특히 어린 자돈의 설사병과 이유자돈의 부종병으로 인한 양돈산업의 피해가 심각한 실정이다(Fairbrother와 Gyles, 2012). 그간 한국

에서도 돼지에서 분리한 대장균들을 대상으로 한 병원성인자 분포나 항생제 내성 분석 등에 대한 보고들은 다수 있었으나 일반 양돈장을 대상으로 한 병원성대장균 감염상황에 대한 보고는 거의 없었다(Byun 등, 2013; Ha 등, 2004; Kim 등, 2010; Kwon 등, 1999; Lim 등, 2007). 본 연구를 통하여 한국의 일반 양돈장에서의 병원성대장균의 농장 및 개체 유병률이 각각 54.7%와 14.4%로 확인되어 앞으로 후속 연구의 기초 자료로 활용할 수 있을 것으로 생각된다(Table 2, 3). 사육구간별로는 Table 3과 같이 주로 포유자돈구간에 감염이 집중되며, 이유기 및 육성전기 이후 감소되는 경향을 나타내어 포유자돈 구간의 감염을 예방하기 위한 모든 관리가 중요함을 확인할 수 있었다(Fairbrother와 Gyles, 2012). 한편, 이 연구에서는 Zhang 등(2007)의 PCR 방법에 따라 분리 대장균의 병원성인자를 검출하여 병원성인자가 하나라도 검출될 경우 병원성대장균으로 진단하였다. 그러나 돼지의 연령대별로 감염되는 대장균의 병원성인자가 다르다는 점을 고려할 때 본 연구에서 확보된 사육단계별 분리 대장균에 대한 병원성인자 분포에 대한 추가적인 연구가 이루어져야 할 것으로 생각된다(Ha 등, 2004; Kim 등, 2010; Kwon 등, 1999; Lim 등, 2007).

살모넬라균의 감염에 따른 병증은 주로 이유 이후 자돈에서 발생하며, 성돈이나 포유자돈에서는 발생빈도가 낮은 것으로 알려져 있다. 그러나 실제 살모넬라균의 감염 자체는 돼지의 연령에 상관없이 일어나며, 모체이행항체가 없는 음성돈군에서는 신생자돈도 감염에 대한 감수성이 높아 이유 이후 자돈과 동일한 병증을 유발하는 것으로 알려져 있다(Carlson 등, 2012). 본 연구에서 살모넬라의 농장 유병률은 10.7%로 나타났으며(Table 2), 사육구간별로는 1.3~5.3%의 낮은 수준이지만 전 사육구간에 걸쳐 살모넬라균이 검출되어 Carlson 등(2012)의 보고와 일치하였다. 그간 한국에서 수행된 살모넬라균의 검출 연구들이 주로 살모넬라균이 집중감염되는 이유/육성돈의 시료를 대상으로 이루어졌음을 고려할 때 향후 농장 단위의 살모넬라 감염상황 파악 및 방역대책 수립을 위해서는 포유구간을 포함한 전 사육구간에 걸쳐 검사할 필요성이 있다고 생각된다(Park 등, 2013; Suh와 Song, 2005). 본 연구를 통하여 확인된 살모넬라균의 농장 및 개체 유병률은 각각 10.7% (8/75) 및 2.9% (11/375)로 확인되어 Suh와 Song (2005)이 보고한 농장 유병률(51.1%, 22/43)이나 Tamanga 등(2015)이 보고한 농장 유병률(53.3%, 16/30)보다는 현저히 낮았으나 Park

등(2013)이 보고한 농장 유병률(12.0%, 3/25)과는 유사하였다. 이러한 차이는 주로 농장 검사시료의 채취 방법과 살모넬라균의 검사방법의 차이에 기인한 것으로 생각된다. 즉, Suh와 Song (2005)은 육성/비육돈의 설사병 발생 사실이 확인된 양돈장을 대상으로 살모넬라균의 감염이 집중되는 육성/비육돈의 분변을 채취하여 PCR 방법으로 검사한 반면에 이 연구와 Park 등(2013)의 연구에서는 설사병 경력과 상관없이 일반 양돈장의 사육단계별 분변시료를 대상으로 세균 분리동정을 통하여 검사하였기 때문이다. 이로 볼 때 특정 국가 또는 지역의 일반적인 농장 유병률을 객관적으로 조사할 때에는 이 연구와 Park 등(2013)의 방법이 적절하다고 생각되나 연구목적으로 살모넬라균을 다수 확보하고자 할 때에는 Suh와 Song (2005)의 방법과 같이 사전조사를 통하여 설사증상이 있는 돈군으로 시료 채취 대상을 특정할 필요도 있다고 생각된다.

B. hyodysneriae 감염에 의한 돼지적리는 한국을 포함한 세계 각국에서 상재성으로 발생하고 있으며, 발생율은 국가, 지역 및 시기별로 다양한 것으로 알려져 있다(Hampson, 2012). 한국에서는 Jung 등(1994)이 농장 및 개체 유병률을 30.7%와 10.7%로, Suh와 Song (2005)이 농장 유병률을 37.2%로, 그리고 Lim 등(2012)이 농장 및 개체 유병률을 7.4%와 1.0%로 각각 보고한 바 있다. 본 연구에서는 농장 및 개체(돈방) 유병률이 각각 2.7% 및 1.1%로 확인되어 다른 보고자들에 비해 낮은 유병률을 나타내었다(Table 2, 3). 돼지적리 감염을 정확하게 진단하기 위해서는 다량의 균을 배설하는 임상형의 급성감염돈으로부터 시료를 채취하는 것이 바람직하나 임상증상이 없는 만성감염 농장인 경우에는 많은 수의 시료를 채취하여 검사해야 양성돈을 찾아낼 수 있다(Fellstrom 등, 2001). 따라서 다른 보고자들이 돼지적리로 의심되는 설사증상을 보이는 농장의 돼지를 특정하여 검사시료를 채취한 반면에 본 연구에서는 농장을 특정하지 않고, 검사시료를 채취하였기 때문에 유병률이 낮은 것으로 판단되나 향후 돼지적리 진단을 위한 시료채취 및 검사방법에 대한 표준화가 필요할 것으로 생각된다.

L. intracellularis 감염에 의한 증식성회장염은 세계적으로 양돈업이 행해지는 거의 모든 국가에서 발생하고 있으며, 만성 감염농장에서는 임상증상이 경미하거나 무증상으로 경과하기 때문에 진단이 어려운 것으로 알려져 있다(McOrist와 Gebhart, 2012). 본 연

구의 농장 및 개체 유병률은 각각 16.0% 및 4.5%로 Kim 등(1998)이 보고한 농장 및 개체 유병률(20.0% 및 3.3%)와 유사하였으나 Suh와 Song (2005)이 보고한 농장 및 개체 유병률(46.5% 및 19.9%)에 비해서는 낮게 나타났다(Table 2와 3). 이는 상기 기술한 대로 Suh와 Song (2005)의 경우 증식성회장염균이 검출될 가능성이 높은 설사 발생 양돈장을 대상으로 검사시료를 채취하였기 때문으로 생각된다.

본 연구에서 검출된 5개 주요 설사병 원인체의 사육구간별 검출양상을 살펴보면(Table 3), 병원성 대장균과 PoRVA는 주로 포유자돈과 이유자돈구간에서 집중적으로 검출되고 있으며, 살모넬라균과 증식성회장염균은 일부 구간에서 검출률이 높기는 하나 전 사육구간에 걸쳐서, 그리고 돼지적리균은 육성돈 이후 구간에서 검출되고 있어 이전 보고자들의 보고한 해당 질병의 집중 발생구간과 대체적으로 일치하였다(Carlson 등, 2012; Chang 등, 2012; Fairbrother와 Gyles, 2012; Hampson, 2012; McOrist와 Gebhart, 2012). 그러나 집중발생 구간이 아닌 사육구간에서도 일부 병원체가 검출되고 있어 농장 단위 방역대책 수립에 있어 사육단계별 돈군간 질병 전파를 차단하기 위한 다양한 조치가 필요할 것으로 생각된다. 또한, Table 5과 같이 검사 개체(돈방)의 설사병 임상증상과 설사병 원인체간 상관성을 분석한 결과, PoRVA, 병원성대장균 및 살모넬라균과 달리 증식성회장염균과 돼지적리균은 상관성이 낮은 것으로 나타났다. 이는 증식성회장염이나 돼지적리의 경우 만성감염된 농장에서는 전형적인 임상증상을 나타내지 않는 불현성감염이 많으며, 유병률 또한 낮게 나타난다는 이전 연구자의 보고와 일치한다(McOrist와 Gebhart, 2012; Fellstrom 등, 2001). 따라서 향후 농장 단위의 설사병의 진단과 방역조치에 이러한 불현성 감염 농장 및 돈군에 대한 대책이 보완되어야 할 것으로 보인다. 이상 본 연구를 통하여 확보된 한국의 일반 양돈장에 대한 설사병 발생양상과 주요 설사병 원인체 검출 정보는 향후 돼지 설사병 관련 후속연구와 방역대책 수립 등에 귀중하게 활용될 것으로 기대된다.

결 론

한국의 75개 양돈장을 대상으로 사육단계별 설사병 발생상황을 파악하기 위하여 임상관찰과 주요 설사병 원인체 7종에 대한 검사를 실시하였다. 75개 양

돈장 중 68개 양돈장(90.7%)에서 설사병 임상증상이 관찰되었으며, 연령대가 어릴수록 설사병 발생률이 높고 설사증상이 심한 것으로 나타났다. 사육단계별 채취 분변에 대한 7종 설사병 원인체 검사결과, PEDV와 TGEV는 검출되지 않았으나 PoRVA, 병원성대장균, 증식성회장염균, 살모넬라균 및 돼지적리균의 농장 유병률은 각각 54.7%, 54.7%, 16.0%, 10.7% 및 2.7%로 나타났다. PoRVA는 포유자돈 및 이유자돈 구간에서 집중적으로 발생하였고, 병원성대장균은 포유자돈 구간에서 가장 높은 검출률을 나타내었으며, 이후 감소하는 경향을 나타내었다. 반면에 살모넬라균과 증식성회장염균은 사육 전 구간에 걸쳐서 1.3~6.7%의 비율로 고루 검출되는 경향을 나타내었으며, 돈적리균의 경우는 포유 및 이유자돈구간에서는 검출되지 않았으나 육성초기 이후 구간에서 1.3~2.7%의 수준으로 검출되었다. 75개 양돈장의 375개 돈방별 채취 시료에 대한 병원체 검출률은 30.1%이었으며, 단독감염 및 혼합감염의 비율은 각각 25.0% 및 5.1%로 나타났다. 검사 개체의 설사병 임상증상과 설사병 원인체간 상관성을 분석한 결과, PoRVA, 병원성대장균 및 살모넬라균과 달리 증식성회장염균과 돼지적리균은 상관성이 낮은 것으로 나타났다. 이상 본 연구를 통하여 확보된 한국의 일반 양돈장에 대한 설사병 발생양상과 주요 설사병 원인체 검출 정보는 향후 돼지 설사병 관련 후속연구와 방역대책 수립 등에 귀중하게 활용될 것으로 기대된다.

감사의 글

본 연구는 농림축산식품부, 생명산업 기술개발사업(과제번호 311007-5), 가축질병대응기술개발사업(과제번호: 313060-03-1-HD020), 농촌진흥청 Golden Seed 프로젝트 사업(과제번호 PJ009921) 및 농림축산검역본부 학술연구용역과제(과제번호: Z-1543069-2014-14-02)의 지원에 의해 이루어진 것임.

REFERENCES

Arnold T, Scholz HC, Marg H, Rosler U, Hensel A. 2004. Impact of invA-PCR and culture detection methods on occurrence and survival of Salmonella in the flesh, internal organs and lymphoid tissues of experimentally infected pigs. *J Vet Med B* 51: 459-463.

Byun JW, Jung BY, Kim HY, Fairbrother JM, Lee MH, Lee WK. 2013. Real-time PCR for differentiation of F18 variants among enterotoxigenic and Shiga toxin-producing *Escherichia coli* from piglets with diarrhoea and oedema disease. *Vet J* 198: 538-540.

Carlson SA, Barnhill AE, Griffith RW. 2012. Salmonellosis. pp. 821-833. In: Zimmerman JJ, Karriker LA, Ramirez A, Schwartz KJ, Stevenson GW(ed.). *Diseases of swine*, 10th ed. Wiley-Blackwell Publishing. West Sussex. UK.

Chang KO, Saif L, Kim Y. 2012. Reoviruses (Rotaviruses and Reoviruses). pp. 621-634. In: Zimmerman JJ, Karriker LA, Ramirez A, Schwartz KJ, Stevenson GW(ed.). *Diseases of swine*, 10th ed. Wiley-Blackwell Publishing. West Sussex. UK.

Driesen SJ, Carland PG, Fahy VA. 1993. Studies on preweaning piglet diarrhoea. *Aust Vet J* 70: 259-262.

Estes M, Greenberg HB. 2013. Rotaviruses. pp. 1347-1395. In: Knipe D, Howley P(ed.). *Fields Virology*, 5th ed. Wolters Kluwer Health/Lippincott Williams & Wilkins, Philadelphia.

Fairbrother JM and Gyles CL. 2012. Colobacillosis. pp. 723-749. In: Zimmerman JJ, Karriker LA, Ramirez A, Schwartz KJ, Stevenson GW(ed.). *Diseases of swine*, 10th ed. Wiley-Blackwell Publishing. West Sussex. UK.

Fellström C, Zimmerman U, Aspan A, Gunnarsson A. 2001. The use of culture, pooled samples and PCR for identification of herds infected with *Brachyspira hyodysenteriae*. *Anim Health Res Rev* 2: 37-43.

Ha SK, Choi C, Jung K, Kim J, Han DU, Ha Y, Lee SD, Kim SH and Chae C. 2004. Genotypic prevalence of the adhesin involved in diffuse adherence in *Escherichia coli* isolates in pre-weaned pigs with diarrhoea in Korea. *J Vet Med B* 51: 166-168.

Hampson DJ. 2012. Brachyspiral Colitis. pp. 680-696. In: Zimmerman JJ, Karriker LA, Ramirez A, Schwartz KJ, Stevenson GW(ed.). *Diseases of swine*, 10th ed. Wiley-Blackwell Publishing. West Sussex. UK.

Jeong Y, Park S, Hosmillo M, Shin D, Chun Y, Kim H, Kwon H, Kang S, Woo S, Park S, Kim G, Kang M, Cho K. 2009. Detection and molecular characterization of porcine group C rotaviruses in South Korea. *Vet Microbiol* 138: 217-224.

Johnson MW, Fitzgerald GR, Welter MW, Welter CJ. 1992. The six most common pathogens responsible for diarrhea in newborn pigs. *Vet Med* 4: 382-386.

Jung SC, Bark YH, Moon JS. 1994. Characteristics of *Serpulina hyodysenteriae* isolated from swine farms. *Ann Res Rept RDA* 36: 103-117.

Katsuda K, Kohmoto M, Kawashima K, Tsunemitsu H. 2006. Frequency of enteropathogen detection in suckling and weaned pigs with diarrhea in Japan. *J Vet Diagn Invest* 18: 350-354.

Kim HJ, Park SI, Ha TPM, Jeong YJ, Kim HH, Kwon HJ, Kang MI, Cho KO, Park SJ. 2010. Detection and genotyping of Korean porcine rotaviruses. *Vet Microbiol* 144:

- 274-286.
- Kim O, Kim B, Chae C. 1998. Prevalence of Lawsonia intracellularis in selected pig herds in Korea as determined by PCR. *Vet Rec* 143: 587-589.
- Kim YJ, Kim JH, Hur J, and Lee JH. 2010. Isolation of *Escherichia coli* from piglets in South Korea with diarrhea and characteristics of the virulence genes. *Can J Vet Res* 74: 59-64.
- Kwon D, Kim O, Chae C. 1999. Prevalence of genotypes for fimbriae and enterotoxins and of O serogroups in *Escherichia coli* isolated from diarrheic piglets in Korea. *J Vet Diagn Invest* 11: 146-151.
- Lee SW, Kim TJ, Park SY, Song CS, Chang HK, Yeh JK, Park HI, Lee JB. 2001. Prevalence of porcine proliferative enteropathy and its control with tylosin in Korea. *J Vet Sci* 2: 209-212.
- Lim SH, Lee HS, Nam HM, Cho YS, Jung SC, Joo YS. 2012. Prevalence and antimicrobial susceptibility of *Brachyspira* species in pigs in Korea. *Korean J Vet Res* 52: 253-257
- Lim SK, Lee HS, Nam HM, Cho YS, Kim JM, Song SW, Park YH, Jung SC. 2007. Antimicrobial resistance observed in *Escherichia coli* strains isolated from fecal samples of cattle and pigs in Korea during 2003-2004. *Inter J Food Microbiol* 116: 283-286.
- McOrist S, Gebhart CJ. 2012. Proliferative enteropathy. pp. 811-820. In: Zimmerman JJ, Karriker LA, Ramirez A, Schwartz KJ, Stevenson GW(ed.). *Diseases of swine*, 10th ed. Wiley-Blackwell Publishing. West Sussex. UK.
- Molinari BLD, Lorenzetti E, Otonel RAA, Alfieri AF, Alfieri AA. 2012. Species H Rotavirus Detected in Piglets with Diarrhea, Brazil. *Emerg Infect Dis* 20: 1019-1022.
- Park CK, Kim HJ, Kim JH, Cho JK, Kim YH, Jung YS, Bae CW, Park JC, Kim IC, Kim KS. 2013. prevalence and Infection Status of Salmonella in 25 Conventional Swine Farms in Korea. *J Life Sci* 23: 1267-1272.
- Song DS, Kang BK, Oh JS, Ha GW, Yang JS, Moon HJ, Jang YS, Park BK. 2006. Multiplex reverse transcription-PCR for rapid differential detection of porcine epidemic diarrhea virus, transmissible gastroenteritis virus, and porcine group A rotavirus. *J Vet Diagn Invest* 18: 278-281.
- Stege H, Jensen TK, Miller K, Baebo P, Jorsal SE. 2000. Prevalence of Intestinal Pathogens in Danish Finishing pig Herds. *Prev Vet Med* 46: 279-292.
- Suh DK, Song JC. 2005. Prevalence of Lawsonia intracellularis, Brachyspira hyodysenteriae and Salmonella in swine herds. *J Vet Sci* 6: 289-293.
- Tamanga MD, Gurunga M, Nam HM, Moon DC, Kim SR, Jang GC, Jung DY, Jung SC, Park YH, Lim SK. 2015. Prevalence and characterization of Salmonella in pigs from conventional and organic farms and first report of S. serovar 1,4,[5],12:i:- from Korea. *Vet Microbiol* 178: 119-124.
- Thomson JR, Friendship RM. 2012. Digestive system. pp. 199-226. In: Zimmerman JJ, Karriker LA, Ramirez A, Schwartz KJ, Stevenson GW(ed.). *Diseases of swine*, 10th ed. Wiley-Blackwell Publishing. West Sussex. UK.
- Viott AM, Lage AP, Cruz Junior ECC, Guedes RNC. 2013. The prevalence of swine enteropathogens in Brazilian grower and finish herds. *Brazilian J Microbiol* 44: 145-151.
- Wakuda M, Ide T, Sasaki J, Komoto S, Ishii J, Sanekata T, Taniguchi K. 2011. Porcine rotavirus closely related to novel group of human rotaviruses. *Emerg Infect Dis* 17: 1491-1493.
- Wieler LH, Ilieff A, Herbst W, Bauer C, Vieler E, Bauerfeind R, Failing K, Klös H, Wengert D, Baljer G, Zahner H. 2001. Prevalence of enteropathogens in suckling and weaned piglets with diarrhoea in southern Germany. *J Vet Med B Infect Dis Vet Public Health* 48: 151-159.
- Zhang W, Zhao M, Ruesch L, Omot A, Francis D. 2007. Prevalence of virulence genes in *Escherichia coli* strains recently isolated from young pigs with diarrhea in the US. *Vet Microbiol* 123: 145-152.